

**Figure 1C**  
 ClustalW DNA Sequence Alignment of *sasp-B* Amplicons  
 from 38 *Bacillus anthracis* Strains

	181	195 196	210 211	225 226	240
1 Bapst	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
2 Bare1	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
3 NMRI#67	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
4 NMRI#63	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
5 NMRI#62	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
6 NMRI#60	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
7 NMRI#1	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
8 NMRI#2	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
9 NMRI#4	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
10 NMRI#5	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
11 NMRI#6	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
12 NMRI#10	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
13 NMRI#11	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
14 NMRI#18	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
15 NMRI#19	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
16 NMRI#20	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
17 NMRI#22	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
18 NMRI#23	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
19 NMRI#24	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
20 NMRI#25	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
21 NMRI#26	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
22 NMRI#28	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
23 NMRI#32	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
24 NMRI#35	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
25 NMRI#36	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
26 NMRI#38	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
27 NMRI#39	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
28 NMRI#40	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
29 NMRI#41	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
30 NMRI#42	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
31 NMRI#43	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
32 NMRI#50	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
33 NMRI#52	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
34 NMRI#53	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
35 NMRI#54	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
36 NMRI#55	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
37 NMRI#56	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
38 NMRI#59	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)

**Figure 2A**

Drawing ClustalW Global *sasp-B* DNA Sequence Alignment of *Bacillus anthracis*,  
*Bacillus thuringiensis* and *Bacillus cereus* Strains

	1	15	30	45	60	75	90
1 NMRH#5	1	16	31	46	61	76	91
2 1B	AACAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
3 003	AACAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
4 III	AACAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
5 IV	AACAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
6 BtB	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
7 BtY	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
8 4A1	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
9 BtV	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
10 BtZ	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
11 Btce3	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
12 1B/A	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
13 Bcepub	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
14 BtT	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
15 BtU	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
16 BtS	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
17 BtR	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
18 BtL	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
19 BtO	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
20 BtJ	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
21 4I2	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
22 BtG	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
23 BtI	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
24 Bce2	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
25 BtC	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
26 BtE2	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
27 BtE4	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
28 BtK	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
29 BtM	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
30 BtN	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
31 BtP	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
32 BtX	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
33 Bce1	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
34 BtQ	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
35 BtW	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
36 NMRH#57	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	
37 NMRH#11	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGCTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCAAGCAGTAAAA	

**Figure 2C**

Drawing ClusterW Global *sasp-B* DNA Sequence Alignment of *Bacillus anthracis*,  
*Bacillus thuringiensis* and *Bacillus cereus* Strains

	181	195 196	210 211	225 226	240
1 NMRI#15	ACTGAAACAGATGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:12)				
2 1B	ACTGAAACAGATGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:12)				
3 003	ACTGAAACAGATGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:12)				
4 III	ACTGAAACAGATGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:12)				
5 IV	ACTGAAACAGATGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:12)				
6 BtB	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:13)				
7 BtY	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:14)				
8 4A1	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:15)				
9 BtV	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:15)				
10 BtZ	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:15)				
11 Btcer3	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
12 1B/A	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
13 Btcerpub	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
14 BtI	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
15 BtU	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
16 BtS	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
17 BtR	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
18 BtL	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:16)				
19 BtO	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
20 BtJ	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
21 4J2	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
22 BtG	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
23 BtI	ACTGAAACAGACGTG CATTCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:10)				
24 Btcer2	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:17)				
25 BtC	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:18)				
26 BtE2	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:18)				
27 BtE4	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:18)				
28 BtK	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:18)				
29 BtM	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:18)				
30 BtN	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:18)				
31 BtP	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:19)				
32 BtX	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:19)				
33 Btcer1	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:19)				
34 BtQ	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:20)				
35 BtW	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:20)				
36 NMRI#57	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:21)				
37 NMRI#11	ACTGAAACAGACGTG CATGCTGTGAAAAAA CAAATGTCACAAATCA GCTGCAAAACAA (SEQ ID NO:11)				

*Bacillus globigii* specific PCR targeting Bg sasp-gamma

Alignment of *B. subtilis* sasp-gamma sequence (from GeneBank) with *B. globigii* sequence (upper strand) showing the location of the primer sequences and how their sequence compares to the (known) *B. subtilis* sequence:

	1	15	16	30	31	45	46	60	61	75
BSSSPE_edited_	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	ATTCTA
Bs_pub_SSPE	TTGACGCGGACGCTC	ACTGCTCGTTTAAA	ATTTTAAAAAAGAG	GAATAGCTATACGAT	CACCTGCACATTCTA					
			Forward primer (BgSaspGam 5')							
	76	90	91	105	106	120	121	135	136	150
BSSSPE_edited_	ATTGTCGTGAGGTG	ATAAACATGGCTAAC	TCAAACACAC-----	AAAACAACGCTCAA	CAAGTAAGAAAAACAA					
Bs_pub_SSPE	ATGACCGTGAGGTG	ATAACAATGGCTAAC	TCAAATACTTCAGC	AAAACAACGCTCAA	CAAGTTAGAAAAACAA					
						Reverse primer				
BSSSPE_edited_	151	165	166	180	181	195	196	210	211	225
Bs_pub_SSPE	AACCAACAATCAGCA	TCTGGCCAAGTCA	G	TTTGGTACAGAATT	GCTAGCGAAACAAC	GTACAACAAGTAAGA				
			(BgSaspGam 3')							
	226	240	241	255	256	270	271	285	286	300
BSSSPE_edited_	AAACAAAACCAACAA	TCAGCTGCTGGACAA	GGACAAATCGGCAC	GAATTTCGCTAGTGAA	ACTGATGCTCAGCAA					
Bs_pub_SSPE	AAACAAAACCAACAA	TCAGCTGGACAACAA	GGTCAATTCGGCACC	GAATTTCGCTAGTGAA	ACTGACGCACAGCAG					
	301	315	316	330	331	345	346	360	361	375
BSSSPE_edited_	GTAAGACAGCAAAAC	CAATCTGCTGAACAA	AACAACAACAACAAAC	AGCTAATCAGTGAAC	CAGAAAAAAGCAGCT					
Bs_pub_SSPE	GTAAGACAGCAAAAC	CAATCTGCTGAACAA	AACAACAACAACAAAC	AGCTAATCAGTGAAC	CAGAAAAAAGCAGCT					
	376	390	391	405	406	420	421	435	436	450
BSSSPE_edited_	TCATCCTCGGTGGA	AGTGCTTTTCTCTT	TTATAAAAAGACAAA	ACTTGTGGA						
Bs_pub_SSPE	TCATCTTCGG-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	384

BSSSPE\_edited\_ (SEQ ID NO:22)  
Bs\_pub\_SSPE (SEQ ID NO:23)

**FIG. 3.**